

タンパク質構造・機能研究グループ

Protein Research Group

プロジェクトディレクター **横山 茂之**
YOKOYAMA, Shigeyuki

当研究グループは、基本構造予測研究チーム、基本構造機能研究チーム、基本構造解析研究チーム、および、標識技術高度化研究チームからなり、タンパク質の構造と機能の体系的な理解を進めている。タンパク質の立体構造を構成する基本構造（ドメイン）は約1万種類が存在すると推定されている。当研究グループは、体系的な立体構造および機能解析のためにタンパク質試料を cDNA クローンから調製する有力な方法として、無細胞タンパク質合成法の改良を進め、タンパク質を全長またはドメイン毎に高機能に発現する理論的・実験的手法を開発している。NMR 構造解析法と X 線結晶構造解析法を用いてこれらの構造を解析しドメイン構造に関する知見を集積するとともに、構造解析法の改良研究や相互作用分子の検索等の分子機能研究を進めている。

1. 基本構造予測研究

(1) ドメイン構造境界の予測技術（黒田，福島，田中（剛），田村，奥村，山本，近山，赤沼^{*1}，宮崎^{*2}，横山，松尾，谷（ゲノム情報科学研究グループ））

従来のドメイン同定法は直感的な要素が極めて大きく、タンパク質の構造ドメインに相当する配列領域を理論的に予測する手法はほとんど存在しない。我々は、現在までの研究でアミノ酸配列から構造ドメインに相当する領域を推定する方法の1つとして、配列相同性に基づくタンパク質ドメインの同定法を試みた。既知の単ドメインタンパク質は200～300残基のサイズである。また、各ドメインは、構造的に独立してフォールドし、進化的に異なる起源を有すると考えられる。そのため、1つのタンパク質の配列（問い合わせ配列）に対して配列データベースで相同配列の検索をすると、そのタンパク質の配列上に存在する各ドメインに対応して検出される相同配列の数や、その分岐の程度が異なってくると考えられる。このような仮定に基づき、我々はBLASTのデータベース検索の結果を自動的に解析し、問い合わせ配列の各サイトに対して、類似配列の検出される数を割り当て、その数が急激に変化するサイトを構造ドメイン境界候補として予測するプログラムを開発した。このプログラムの適用の結果、類似配列が数多く検出される領域は、50%以上の確率で構造ドメインと一致することが確認された。

また、ドメインリンカー領域における配列パターンの特徴を抽出し、それをリンカー領域識別に利用するため、ニューラルネットワークを構築した。ニューラルネットワークは理工学の様々な分野で応用されてきたパターン認識法であり、生物学においてもアミノ酸配列や核酸配列からの構造予測やシグナル予測に利用されている。今回、このニューラルネットワークの解析からドメインリンカーの配列パターンの特徴が確認された。例えば、プロリン残基の出現率はドメインリンカーの中心部で高く、ヒスチジン残基はドメインリンカーのC-末端での出現率が低いことなどが判明した。また、このニューラルネットワークを用いて多ドメインタンパク質のリンカー領域を予測したところ、50-60%程度の適中率を示した。

(2) ドメイン境界の実験的検討（木川，関，横山）

上記の理論的なドメイン境界予測とは独立に、実験的にドメイン境界を同定する手法も必要である。そこで、無作為に断片化した cDNA を GFP レポータータンパク質との融合体として発現させ、GFP の蛍光強度を指標にして可溶性が高いタンパク質断片を選択することにより、ドメイン境界を実験的に同定する手法を構築した。マウスの Grb2 タンパク質にこの手法を適用したところ、GFP の蛍光強度と断片化タンパク質の可溶性は良く一致し、可溶性の高い断片化タンパク質の境界は、Grb2 タンパク質の立体構造上のドメイン境界と極めて良く一致した。現在、この手法をマウス cDNA に適用して、ドメイン境界の同定を進めている。

(3) ターゲットリストの作成（白水，胡桃坂，横山；松尾，谷，長内（ゲノム情報科学研究グループ））

立体構造および機能解析のためのターゲットタンパク質を多数の候補タンパク質群の中から選択するためのシステムティックな手続きを作成し、それをマウス・ヒト・線虫・シロイヌナズナ・高度好熱菌由来のタンパク質データに対して適用した。優先順位付けの基準として、(i) 後生動物に特異的に分布するもの、(ii) シグナル伝達系、(iii) DNA/RNA 結合タンパク質、(iv) 疾患関連、(v) リボソーム・ミトコンドリア局在、を用いた。これらの基準による優先順位付けに基づき、構造決定のターゲットを選択することになる。なお、配列情報解析の結果、構造既知のホモログが検出されたものや、水溶性球状でないとい推定されるタンパク質（ドメイン）の優先度は低くした。その結果に基づき、各配列のターゲットとしての優先度を考察した。

2. 基本構造機能研究

(1) 新規のタンパク質分子間相互作用解析手法開発（廣田，浅沼，福沢^{*3}，佐々木^{*2}，柞木^{*2}，横山）

cDNA ライブラリー由来の非常に多種類の機能未知タンパク質について、その機能解析を行うハイスループットな新手法の開発が急務である。対象は多検体のタンパク質で、分子間相互作用する相手（リガンド）はタンパク質・核酸・低分子等の広範な種類の化合物である。第一の解析手法と

して、MALDI/TOF 型の質量分析計における新しいイオン化ターゲットの開発研究を行った。従来法よりもイオン化効率・選択性を向上させるために、イオン化用ターゲット上にアルキル鎖と PEG (ポリエチレングリコール) 等からなるリンカーを自己組織化膜として形成・固定化した。リンカーの先には自己組織化の前あるいは後にリガンド分子を共有結合させた。検体であるタンパク質混合物とインキュベート・洗浄後に、分子間相互作用しているタンパク質が高選択的に検出できることを確認した。現在、更に高感度・高選択性に分子間相互作用を検出できるようにターゲット表面の性質・形状に関する考察を行っている。第二の解析手法として、ESI/Q-TOF 型の質量分析計における新規分子間相互作用解析法の開発研究を始めた。従来法が汎用性・ハイスループット解析に適さない問題点を詳細に解析中である。その他、表面プラズモン共鳴、NMR 等を用いた分子間相互作用解析の新手法開発の検討を開始した。

(2) 特定リガンドと相互作用するタンパク質 (ドメイン) の探索 (廣田、濱田、伴、山崎、國島^{*4})

特定リガンドとしてタンパク質・核酸・低分子等の広範な種類の化合物を対象とし、標的タンパク質探索法の一般化を視野に入れて研究を行っている。たとえば、生物活性天然有機化合物のうちでその受容体・標的タンパク質が知られているものは極くわずかであるので、数種類の生物活性化合物についてその標的タンパク質の探索研究を開始した。強力な細胞毒性を有する海綿由来の onnamide A については、そのカルボン酸部位を修飾してアフィニティマトリックスを調製したので、次にこれと特異的に分子間相互作用するタンパク質をウシ脳抽出物から数種見いだし、それらの精製を試みている。マボヤ幼生に対する変態誘起活性が報告されている数種の低分子化合物については、受容体特定のプロープ作製のために複数の誘導体を調製した。誘導体化により活性が消失されなかった数種の誘導体について、受容体タンパク質の特定を目指した実験を開始した。

3. 基本構造解析研究

(1) 無細胞タンパク質合成法 (横山、木川、白水、矢吹、布川、関、松田 (貴)、元田、松田 (夏)、齋藤、沈、浅沼、五島、田島、遠藤^{*5}、堀^{*3}、澤崎^{*3}、長谷川^{*3}、濡木^{*3}、葛西^{*2}、児玉^{*2})

我々は、無細胞タンパク質合成系を核として、cDNA ライブラリーにコードされた多数のタンパク質を、同時並行的に、迅速に発現調製する系を構築した。主にマウスの cDNA について、His-tag fusion ないしは GST-tag fusion の形で発現し、合成量や可溶性の解析を行った。668 クローン、1154 コンストラクトについての解析の結果、約 1/4 のコンストラクトについて比較的十分な合成が確認できた。また、一部のコンストラクトについては、¹⁵N 標識タンパク質を調製して HSQC スペクトルを測定した。

大腸菌エクストラクトを用いた無細胞タンパク質合成法、特に、透析法に関して、反応液の組成や反応器具などの反応条件の検討を行った。その結果、1 mL の反応液を用いて 8 時間で 7 mg 以上のタンパク質を合成することが可能になった。

X 線結晶解析法による立体構造決定においては、セレノメチオニン (SeMet) 導入タンパク質と多波長異常分散

(MAD) 法を組み合わせることにより、位相決定が迅速に行える。そこで、無細胞タンパク質合成法を用いた SeMet 導入タンパク質の調製を検討した。SeMet 導入 Ras タンパク質を調製し質量分析計により分析した結果、SeMet の導入率は 95% 以上と極めて高かった。このタンパク質の結晶を作製して (空間群 P6522), SPring-8 の BL44B2 ビームラインで MAD 法の測定を行い、2.0 Å 分解能のデータを取得することができた。このデータを用いて決定した立体構造は、既に決定されている Ras タンパク質の構造と同じであった。無細胞系により SeMet 導入タンパク質を調製して MAD 法を用いて立体構造を決定することにより、ハイスループットな立体構造決定が可能となる。

一方、コムギ胚芽を用いる無細胞タンパク質合成システムを用いて、このシステムがアラビドプシス cDNA ライブラリーからのタンパク質発現に利用できるか否かを試験したところ、良好に機能することが分かった。

(2) 立体構造解析法の改良 (伊藤、稲垣^{*5}、中村^{*5}、木寺^{*3}、城所^{*3}、曾田^{*3}、藤^{*3})

様々な生物現象においてタンパク質と核酸の相互作用は極めて重要な役割を担っているが、核酸結合部位の立体構造や核酸認識のメカニズムの詳細な解析を NMR を用いて行うことは困難であった。我々はタンパク質の ¹H 核と核酸の ³¹P 核の間の水素結合を同定する手法を新たに開発することに成功し、さらに配向した試料を用いて ³¹P 核の周辺の構造情報を残余双極子カップリングとして取り出すことにも成功した。これらの成果によって核酸結合タンパク質のより詳細な構造解析が可能になると考えられる。

さらに、立体構造解析法の改良の基盤研究として、本年度は立体構造情報自体の解析の高度化を進め、基本構造の理解のために、以下の 3 つの視点から解析を進めた。第一に、タンパク質立体構造の分類に用いる立体構造比較の新しい方法論として、Double DP 法の統計力学的記述による確率的アラインメント法を開発した。この方法によって、従来法のように最適解 1 つを与えるだけではなく、すべての sub-optimal な解を同時に与えることができ、類似性の低い構造間の比較により正しい尺度を与えることができるようになり、立体構造の基本形の分類がより正しくなるものと期待できる。第二に、タンパク質の残基間空間距離とアミノ酸配列上の距離の情報に基づいて、タンパク質の部分構造を比較・分類する新しい指標を検討した。特に部分構造間の相対エントロピー尺度を用いて、様々な条件で立体構造データベースを検索したところ、立体構造の類似度の高いものだけでなく、構造が大きく異なる立体構造間の定量的な比較において有用であることが示された。

天然配列と、それから発生させたランダム配列の比較から、天然配列に特異的な情報を抽出する方法を考案した。その実行により、天然配列では、アミノ酸の疎水性因子が二次構造と結びつく形で、アミノ酸の一次構造の並び方に影響することが判明した。そこで第三に、タンパク質の立体構造形成の重要な要素である疎水核を、原子座標データから自動的に同定するプログラムを開発した。これを用いて SCOP 分類により異なる折り畳みを持つ 108 個の構造の疎水核を決定し、統計的解析を行った。その結果、(i) 全残基の内疎水核に属する残基の割合は、約 1/4 である、(ii) β シートより α ヘリックスに属する非極性残基の方が疎水

核を形成し易い、(iii)疎水核内では、残基の占有体積が外部より約8%小さく、原子団が密に充填されている、等が分かった。

次に、タンパク質の立体構造と機能との関連を、従来とは異なる分子表面の形状と物性の見地から分類・整理し、その分類をもとにして各タンパク質の分子機能への関連付けを試みた。分子表面(コノリー面)を構築する三角形の頂点における電位と疎水性・親水性に対応づける。この表面画像をカラーで図示し、electrostatic-surface of Functional site (eF-site)と呼ぶデータベースとしてインターネットで公開した。ここでは、機能部位と関連させるため、抗体分子の抗原認識部位、アミノ酸配列上のモチーフ・データベース PROSITE に対応したもの、リン酸結合部位に特化したもの、酵素活性部位を集めたもののそれぞれのデータベースを開発した。これら表面図形を客観的に識別し、表面の分類を行うため、グラフ理論であるクリーク探索の手法を開発した。表面形状と物理化学的特性の類似性をスコアとして、他の多くの分子表面間との比較とから Z スコアを求め、識別を行った。抗体の例において同一の抗原に対する抗体が他の抗体から識別されたり、酵素の活性部位がフォールドとは別に識別できていることが示された。

(3) 基本構造の解析(横山, 伊藤, 木川, 胡桃坂, 白水, 寺田, 橋本, 井上(み), 関, 立田, 五島, Trakhanov, 菊地, 井上(真), 小柴, 畑中, 堀, 新野, 和田, 仲野, 奥村, 福島, 松本, シータ山口, 石塚, 佐伯, 香川, 田中(祥), 藤川, 江田, 榎本, 中田, 濱田, 浅沼, 廣田, 井上(匡), 前田, 好田, 五味^{*1}, 北畠^{*1}, 倉光^{*5}, 西村^{*5}, 金^{*3}, 林^{*3}, 濡木^{*3}, 河合^{*3}, 遠藤^{*2}, 深井^{*2}, 深津^{*2}, 後藤^{*2}, 石井^{*2}, 石谷^{*2}, 勝木^{*2}, 桂^{*2}, 栗本^{*2}, 中間^{*2}, 岡部^{*2}, 佐藤^{*2}, 仙石^{*2}, 進藤^{*2}; 柴田(遺伝生化学研); 荒田(研究顧問))

テロメアの長さを制御しているタンパク質としてヒトでは hTRF1 が知られている。hTRF1 と DNA の複合体構造を NMR で解析したところ、DNA 結合ドメインにある Myb 様モチーフは 3 本のヘリックスを持ち 3 本のヘリックスは 3 個の Trp を含む疎水的なコアで安定化されていた。DNA と相互作用する部分は、3 番目の認識ヘリックスとフレキシブルアームと呼ばれる N 末端領域である。認識ヘリックスが DNA の大きな溝に入り、N 末端が DNA の小さな溝から巻き付くように結合する。TRF1 の 1 個の Myb 様構造モチーフの DNA 結合ドメインがタンデムに繰り返している中の GGGTTA 配列を認識する。

出芽酵母のテロメアに結合するタンパク質としては scRap1 が知られている。最近 scRap1 のヒトホモログがクローニングされ hRap1 と名付けられた。ただし hRap1 は全く DNA に結合しない。むしろ hRap1 は hTRF1 のホモログである hTRF2 に結合するタンパク質として同定された。我々は hRap1 の Myb 様モチーフの構造を NMR を用いて決定した。構造解析の結果今までの Myb 様モチーフのフォールドと全く同じフォールドであったが、明らかに表面構造が異なっていた。

ヒト CENP-B は、塩基配列特異的にセントロメア領域 DNA に結合する。我々は、CENP-B の DNA 結合ドメイン(CENP-B 1-129)とその認識配列 DNA との複合体の立体構造を、X 線結晶構造解析によって 2.5 Å の分解能で

決定した。その結果、CENP-B に結合した DNA は、特徴的な湾曲構造を形成していた。一方、CENP-B 1-129 は、5 つの α -helix からなる domain 1 と 3 つの α -helix からなる domain 2 がタンデムに並ぶ高次構造を形成していた。そして、domain 1 および domain 2 それぞれの 3 つめの α -helix が、DNA の major groove に直接結合し、RP1 と RP2 の間の領域に存在するストランドが DNA の minor groove に結合し、それによって DNA が局所的にキンクされることが明らかになった。

DNA 複製開始調節タンパク質である SeqA について、結晶化を行うために、全長 SeqA と N 末端欠失 SeqA 5 種類のタンパク質を大腸菌で大量発現させ精製した。そして、SeqA-DNA 結合ドメインとヘミメチル化 DNA との複合体の結晶化を行い、SPRING-8 において X 線回折実験を進めている。

PhoB は大腸菌内の 2 成分制御系の転写因子である。PhoB が結合する Pho ボックスには 2 個の PhoB 結合部位がある。2 個の DNA 結合ドメインと Pho ボックスを含む十分に長い DNA との複合体の高次構造を、TROSY タイプの NMR の実験を行って解析した。PhoB の 3 番目のヘリックスが DNA の大きな溝に収まり特異的に認識し、さらに C 末の β ターンが DNA の小さな溝でリン酸骨格と相互作用し、PhoB は 2 個の PhoB 結合部位にタンデムに結合することが判った。またそのときに DNA が大きく湾曲することが示唆された。

tRNA やリボソーム RNA (rRNA) の転写後修飾は、これらの RNA の構造の安定化ならびにリガンドとの相互作用を補強し、遺伝暗号の翻訳過程に寄与している。これら RNA の転写後修飾を触媒する酵素は、遺伝子の同定もまだあまり行われていない。我々は、高度好熱菌由来の rRNA メチルトランスフェラーゼ (rrmh) および超好熱古細菌由来のアーケオシン tRNA グアニントランスグリコシラーゼ (ArcTGT) について、MAD 法を用いた X 線結晶構造解析により高次構造を 2.4 Å および 2.2 Å の分解能で決定した。その結果、rrmh に関しては、RNA 結合ドメインと考えられる N 端ドメインと触媒ドメインと考えられる C 端ドメインを持つことが分かり、興味深いことに N 端ドメインは、真核生物のリボソームタンパク質 L30 などの構造と極めて似た構造を持ち、リボソームタンパク質を擬態することで、リボソーム RNA に結合すると考えられた。C 端側には、新規の knot fold (結び目構造) を見だし、これが酵素触媒部位の構築に必須であることを発見した。さらに、ArcTGT に関しては、基質(グアニン, preQ0)との複合体の構造を解明することで、酵素の触媒機構のモデルを構築することに成功した。

また、リボソームタンパク質の 1 つである L28 については、NMR 法により立体構造解析を試みた。15N 標識、および 13C/15N 標識した L28 タンパク質を調製し、帰属を試みた結果、N 末端側は構造をとっていないことが分かった。ケミカルシフト値より、中央部分は、 β -sheet 構造、C 末側は α -helix 構造をとっていることが推測された。

さらに、機能未知タンパク質 258 (Tth258) についても立体構造解析を行った。Tth258 およびそのホモログは真正細菌ゲノムに広く見いだされることから、生物学的に重要な機能を果たすと予想されるが、機能既知のタンパク質とは 1

次配列上のホモロジーがないため、これまでその機能は全く未知であった。そこで Tth258 の立体構造を NMR 法により解析したところ、そのフォールディングは、 $\beta\beta\beta\alpha\beta\alpha\beta$ をコアとする “RNase H-like fold” をとることが明らかとなった。これを受けて DNA 結合活性を測ったところ、2 重鎖 DNA との顕著な結合能が確認された。したがって、Tth258 は核酸の代謝系に関わる新規ヌクレアーゼである可能性が高いことが示唆された。

細胞膜に存在するレセプターは、基質と結合するとエンドサイトーシスと呼ばれる過程を経て細胞内へと取り込まれる。我々はこの過程に関わる ENTH ドメインが、リン脂質の一種である PI(4,5)P₂ と結合することを初めて発見した。また NMR を用いることで、ENTH ドメインの立体構造上に存在する正電荷を持つアミノ酸に富んだ領域が PI(4,5)P₂ のリン酸基の結合部位であることを明らかにした。さらに変異体を用いた実験により、エンドサイトーシスが正常に機能するためにはこの結合が必須であることを発見した。以上の成果はがんや脳疾患の研究に寄与し、新たな治療法の開発につながることが期待される。

4. 標識技術高度化研究 (甲斐荘^{*5}, 早野, 吉岡, 桑迫, 横山)

安定同位体標識高度化チームの最終目標は、安定同位体標識タンパク質を利用し、NMR による立体構造決定の迅速化・高精度化を同時に図ることにある。本年度においては、均一二重、三重標識タンパク質の調製に利用するための¹³C、¹⁵N-二重標識アミノ酸の微生物発酵による多量生産 (Ser, Thr) および培養クロレラ菌体からの²H、¹³C、¹⁵N-三重標識アミノ酸混合物の調製を行った。これらのアミノ酸、アミノ酸混合物は大腸菌の無細胞抽出液を用いるタンパク質発現に利用できることを確認した。

^{*1} 基礎科学特別研究員, ^{*2} 研修生, ^{*3} 共同研究員, ^{*4} 研修生 (立教大大学院), ^{*5} 客員主管研究員

誌 上 発 表 Publications

(原著論文) *印は査読制度がある論文誌

- Kikuchi J., Mitsui Y., Asakura T., Hasuda K., Araki H., and Ohwaku K.: “Spectroscopic investigation of tertiary fold of staphylococcal protein A to explore its engineering application”, *Biomaterials* **20**, 647–654 (1999). *
- Kikuchi J., Asakura T., Loach P. A., Parkes-Loach P. S., Shimada K., Hunter C. N., Conroy M. J., and Williamson M. P.: “A light-harvesting antenna protein retains its folded conformation in the absence of protein-lipid and protein-pigment interactions”, *Biopolymers* **49**, 361–372 (1999). *
- Kikuchi J. and Asakura T.: “Use of ¹³C conformation-dependent chemical shifts to elucidate the local structure of a large protein with homologous domains in solution and solid state”, *J. Biochem. Biophys. Methods* **38**, 203–208 (1999). *
- Shimada A., Nureki O., Dohmae N., Takio K., and Yokoyama S.: “Gene cloning, expression, crystallization and preliminary X-ray analysis of *Thermus thermophilus*

- arginyl-tRNA synthetase”, *Acta Cryst. D* **57**, 272–275 (2001). *
- Fukai S., Nureki O., Sekine S., Shimada A., Tao J., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “Structural basis for double-sieve discrimination of L-valine from L-isoleucine and L-threonine by the complex of tRNA and Valyl-tRNA synthetase”, *Cell* **103**, 793–803 (2000). *
- Kawaguchi S., Müller J., Linde D., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “The crystal structure of the ttCsaA protein: An export-related chaperone from *Thermus thermophilus*”, *EMBO J.* **20**, 562–569 (2001). *
- Renault L., Kerjan P., Pasqualato S., Ménétrey J., Robinson J.-C., Kawaguchi S., Vassilyev D. G., Yokoyama S., Miranda M., and Cherfils J.: “Structure of the EMAPII domain of human aminoacyl-tRNA synthetase complex reveals evolutionary dimer mimicry”, *EMBO J.* **20**, 570–578 (2001). *
- Abe H., Sugasaki T., Kanehara M., Shimada T., Gomi J. S., Ohbayashi F., and Oshiki T.: “Identification and genetic mapping of RAPD markers linked to the den-sonucleosis refractoriness gene, *nsd-2*, in the silkworm, *Bombyx mori*”, *Genes Genet. Syst.* **75**, 93–96 (2000). *
- Mishima M., Hatanaka M., Yokoyama S., Ikegami T., Walchli M., Ito Y., and Shirakawa M.: “Intermolecular ³¹P-¹⁵N and ³¹P-¹H scalar couplings across hydrogen bonds formed between a protein and a nucleotide”, *J. Am. Chem. Soc.* **122**, 5883–5884 (2000). *
- Kikuchi J., Asakura T., Hasuda K., Ito T., Ohwaku K., Araki H., and Williamson M. P.: “An advantage for use of isotope labeling and NMR chemical shifts to analyze the structure of four homologous IgG-binding domains of staphylococcal protein A”, *J. Biochem. Biophys. Methods* **42**, 35–47 (2000). *
- Sekine S., Shimada A., Nureki O., J. C., D. M., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: “Crucial role of the HIGH-loop lysine for the catalytic activity of arginyl-tRNA synthetase”, *J. Biol. Chem.* **276**, 3723–3726 (2001). *
- Kim I., Muto Y., Watanabe S., Kitamura A., Futamura Y., Yokoyama S., Hosono K., Kawai G., Takaku H., Dohmae N., Takio K., Sakamoto H., and Shimura Y.: “Interactions of a didomain fragment of the *Drosophila* sex-lethal protein with single-stranded uridine-rich origonucleotides derived from the *transformer* and *Sex-lethal* messenger RNA precursors: NMR with residue-selective [5-²H]uridine substitutions”, *J. Biomol. NMR* **17**, 153–165 (2000). *
- Kuroda Y. and Kim P. S.: “Folding of bovine pancreatic trypsin inhibitor (BPTI) variants in which almost half the residues are alanine”, *J. Mol. Biol.* **298**, 493–501 (2000). *
- Terada T., Shirouzu M., Fukumori Y., Fujimori F., Ito Y., Kigawa T., Yokoyama S., and Uchida T.: “Solution structure of the human parvulin-like peptidyl prolyl *cis/trans* isomerase, hPar14”, *J. Mol. Biol.* **305**, 917–926

- (2001). *
- Koshiba S., Kigawa T., Kikuchi A., and Yokoyama S.: "Solution structure of the espin N-terminal homology (ENTH) domain of human espin", *J. Struct. Funct. Genomic*, **0**, 1–8 (2001). *
- Sekine S., Nureki O., Shimada A., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Structural basis for anticodon recognition by discriminating glutamyl-tRNA synthetase", *Nat. Struct. Biol.* **8**, 203–206 (2001). *
- Inoue M., Muto Y., Sakamoto H., and Yokoyama S.: "NMR studies on functional structures of the AU-rich element-binding domains of Hu antigen C", *Nucleic Acids Res.* **28**, 1743–1750 (2000). *
- Kikuchi J., Williamson M. P., Shimada K., and Asakura T.: "Structure and dynamics of photosynthetic membrane-bound proteins in *Rhodobacter sphaeroides*, studied with solid-state NMR spectroscopy", *Photosynth. Res.* **63**, 259–267 (2000). *
- Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., and Yokoyama S.: "Automated search of natively folded protein fragments for high-throughput structure determination in structural genomics", *Protein Sci.* **9**, 2313–2321 (2000). *
- Sakamoto K., Gouzu H., Kiga D., Yokoyama S., Yokomori T., and Hagiya M.: "Molecular computation by DNA hairpin formation", *Science* **288**, 1223–1226 (2000). *
- Itoh T., Koshiba S., Kigawa T., Kikuchi A., Yokoyama S., and Takenawa T.: "Role of the ENTH domain in phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate binding and endocytosis", *Science* **291**, 1047–1051 (2001). *
- 木川隆則: "無細胞系を用いたタンパク質の大量合成", *生物物理* **40**, 391–394 (2000). *
- (総説)
- Yokoyama S., Hirota H., Kigawa T., Yabuki T., Shirouzu M., Terada T., Ito Y., Matsuo Y., Kuroda Y., Nishimura Y., Kyogoku Y., Miki K., Masui R., and Kuramitsu S.: "Structural genomics projects in Japan", *Nat. Struct. Biol.* **7** Suppl., 943–945 (2000).
- Yokoyama S., Matsuo Y., Hirota H., Kigawa T., Shirouzu M., Kuroda Y., Kurumizaka H., Kawaguchi S., Ito Y., Shibata T., Kainosho M., Nishimura Y., Inoue Y., and Kuramitsu S.: "Structural genomics projects in Japan", *Prog. Biophys. Mol. Biol.* **73**, 363–376 (2000).
- 木川隆則, 横山茂之: "タンパク質の高次構造決定 (NMR法)", *Mol. Med.* **37**, 228–234 (2000).
- Trakhanov S., 白水美香子: "Series: ゲノム解析プロトコール 14 タンパク質結晶解析と強力シンクロトン放射光", *Mol. Med.* **37**, 836–842 (2000).
- 横山茂之, 廣田洋, 中山朋子: "第 12 章 NMR によるタンパク質基本構造解析", *ゲノム創薬の新潮流*, 古谷利夫 (編), シーエムシー, pp. 127–132 (2000).
- 横山茂之: "巻頭言ゲノムからタンパク質へ", *ファイナンス* **36**, No. 1, 表 2 (2000).
- 白水美香子, 木川隆則, 横山茂之: "構造ゲノム科学プロジェクト", *ポストシーケンズのゲノム科学 3 プロテオミクス: タンパク質の系統的・網羅的解析*, 伊藤隆司, 谷口寿章 (編), 中山書店, 東京, pp. 197–205 (2000).
- 廣田洋, 横山茂之: "構造ゲノム科学と創薬", *実験医学* **18**, 1722–1725 (2000).
- 木川隆則, 横山茂之: "無細胞蛋白質合成系と NMR による蛋白質基本構造の解析", *実験医学* **18**, 2464–2469 (2000).
- 倉光成紀, 三木邦夫, 宮野雅司, 神谷信夫, 横山茂之: "構造ゲノム科学", *日本結晶学会誌* **43**, 45–54 (2001).
- (その他)
- 横山茂之, 廣田洋, 木川隆則: "ゲノム研究の最前線", *InterLab*, No. 21, pp. 31–40 (2000).
- 横山茂之: "ポストゲノムのタンパク質研究", *科学技術ジャーナル* **12**, 18–19 (2000).

口頭発表 Oral Presentations

(国際会議等)

- Kawaguchi S., Sekine S., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Crystal structure of *T. thermophilus* homolog of Trbp111: A novel tRNA binding protein", 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Madore E., Florentz C., Giege R., Sekine S., Yokoyama S., Lapointe J., and Lapointe J.: "Effect of modified nucleotides and magnesium on *Escherichia coli* tRNA^{Glu} structure and on its aminoacylation by glutamyl-tRNA synthetase", 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Hori C., Doi H., Koike T., Yokogawa T., Takeuchi N., Ueda T., Miura K., Spremulli L. L., and Watanabe K.: "Experimental evidences for a single tRNA^{Met} species to function as both an initiator and as an elongator in animal mitochondria", 18th tRNA Workshop, (The European Molecular Biology Organization), Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Fukai S., Sekine S., Nakama T., Shimada A., Vassilyev D. G., Nureki O., and Yokoyama S.: "Structural basis for tRNA recognition by *Thermus thermophilus* valyl- and glutamyl-tRNA synthetases", 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Sekine S., Nureki O., Shimada A., Vassilyev D. G., and Yokoyama S.: "Structural basis of tRNA-anticodon discrimination by glutamyl-tRNA synthetase", 18th tRNA Workshop, Cambridge, UK, Apr. (2000).
- Yokoyama S.: "RIKEN structural genomics initiative", 2nd Ann. EMSL Workshop on Structural Genomics, Richland, USA, July (2000).
- Gomi S., Maeda S., and Yokoyama S.: "Studies of *Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus genes that alter host behavior", 19th Ann. Meet. of American Soc. for Virology, Fort Collins, USA, July (2000).
- Akanuma S., Kigawa T., and Yokoyama S.: "A simplified orotate phosphoribosyltransferase with a reduced set of amino acid at most positions", The Protein Soc. 14th Symp., San Diego, USA, Aug. (2000).
- Yokoyama S.: "The Japanese post-genome project", 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).

- Kigawa T., Yabuki T., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Application of the cell-free protein synthesis to the structure determination of basic protein folds using the NMR spectroscopy", 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Koshiba S., Kigawa T., Kikuchi J., and Yokoyama S.: "NMR study of the epsin N-terminal homology domain of a human epsin", 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Kikuchi J., Iwahara J., Kigawa T., Murakami Y., Okazaki T., and Yokoyama S.: "Solution structure and dynamics of N-terminal region of Abp1 with 21bp-DNA fragment", 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Hamada T., Hirota H., Furukawa H., Haga T., Muto Y., and Yokoyama S.: "TRNOE studies of methacholine bound to the muscarinic acetylcholine receptor", 19th Int. Conf. on Magnetic Resonance in Biological Systems, Florence, Italy, Aug. (2000).
- Yokoyama S.: "Structural genomics projects in Japan", 14th Symp. of the Protein Soc., San Diego, USA, Aug. (2000).
- Seo H., Okuhara K., Yamada T., Kurumizaka H., Ohta K., Shibata T., Akiyama T., and Murofushi H.: "Involvement of DNA unwinding factor (DUF)/FACT in the modulation of chromatin structure", 1st Salk Institute Conf. on Eukaryotic DNA Replication, San Diego, USA, Sept. (2000).
- Yokoyama S.: "High-yield in vitro expression", TB Structural Genomics Consortium/Pyrobaculum aerophilum Retreat, Santa Fe, Argentina, Sept. (2000).
- Furukawa H., Haga T., Muto Y., Yokoyama S., Hamada T., and Hirota H.: "Conformation of methacholine (S) bound to the M₂ muscarinic acetylcholine receptor", 9th Int. Symp. on Subtypes of Muscarinic Receptors, Houston, USA, Oct.-Nov. (2000).
- Ito Y., Mikawa T., Nishinaka T., Aihara H., Kurumizaka H., Yokoyama S., and Shibata T.: "NMR studies on genetic recombination", 4th ICRS Int. Symp., (Institute for Chemical Reaction Science, Tohoku University), Sendai, Nov. (2000).
- Tanaka Y., Nureki O., Kurumizaka H., Fukai S., Kawaguchi S., Ikuta M., Iwahara J., Okazaki T., and Yokoyama S.: "The crystal structure of the DNA-binding domain of the human centromere protein B in complex with CENP-B box DNA", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kurumizaka H., Kagawa W., Nakada M., Ikawa S., Shibata T., and Yokoyama S.: "The human DNA-repair proteins, Xrcc3-Rad51C, promotes homologous pairing", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kagawa W., Kurumizaka H., Shibata T., and Yokoyama S.: "The human Rad52 protein promotes homologous pairing", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Vassilyev D. G., Shirouzu M., Wada T., and Yokoyama S.: "2, 3 Å resolution crystal structure of L17 ribosomal protein from *Thermus thermophilus*", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kigawa T., Yabuki T., Yamaguchi-Nunokawa E., Seki E., Matsuda T., Motoda Y., Matsuda N., Shen X., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Application of the cell-free protein synthesis to the structure determination of basic protein folds using the NMR spectroscopy", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Chikayama E., Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., Kawai J., Hayashizaki Y., and Yokoyama S.: "Automated protein domain prediction system for the selection of structure determination targets", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kuroda Y., Tani K., Matsuo Y., and Yokoyama S.: "Automated search of natively folded protein fragments for high-throughput structure determination in structural genomics", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Miyazaki S., Kuroda Y., and Yokoyama S.: "Characterization and prediction of domain linker sequences by a neural network", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Handa N., Nureki O., Kurimoto K., Fukai S., Kim I., Sakamoto H., Shimura Y., Muto Y., and Yokoyama S.: "Crystal structure of the Sex-lethal protein in complex with the transformer mRNA precursor at 1.7 Å resolution", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kukimoto M., Nureki O., Shirouzu M., Katada T., Hirabayashi Y., Sugiyama H., Furuyama S., Yokoyama S., and Hara-Yokoyama M.: "Crystallization and preliminary X-ray diffraction analysis of the extracellular domain of the cell surface antigen CD38 complexed with ganglioside", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Tani K., Osanai T., Matsuo Y., and Yokoyama S.: "Development of a system for selection and prioritization of targets for structure determination in structural genomics", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Eda K., Kurumizaka H., Kagawa W., Koshiba S., Kigawa T., Matsuo Y., Nojima H., and Yokoyama S.: "Domain analysis of the human Mcm6 protein", Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Kikuchi J., Iwahara J., Kigawa T., Murakami Y., Okazaki T., and Yokoyama S.: "Effect of long-range order re-

- straints in the solution structure analysis of Abp1/DNA complex”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Yabuki T., Motoda Y., Matsuda N., Hayashizaki Y., Kigawa T., and Yokoyama S.: “High-throughput and highly productive expression of proteins using cell-free protein synthesis for structural and functional analysis”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Okumura A., Kuroda Y., Kuramitsu S., Shibata T., Inoue Y., and Yokoyama S.: “Identification of folded protein domains candidate to high-throughput structure determination: A pilot experiment using the *Thermus thermophilus* genome”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Tanaka T., Kuroda Y., and Yokoyama S.: “Identification of protein domain linkers using secondary structure prediction and homologous sequence alignment”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Shibata T., Nishinaka T., Ito Y., Mikawa T., Aihara H., Kurumizaka H., and Yokoyama S.: “Molecular structures for heteroduplex joint-formation in homologous genetic recombination”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Akanuma S., Kigawa T., and Yokoyama S.: “A novel strategy for creating a simplified enzyme with a reduced set of amino acids”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Tajima K., Shirouzu M., Inoue M., Yabuki T., Kigawa T., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Production of *Thermus thermophilus* HB8 proteins by cell-free system”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Hori C., Nakayama H., Kaminishi T., Shirouzu M., Takio K., Hirota H., and Yokoyama S.: “Proteomic analysis of the ribosomal and its associated proteins of *Thermus thermophilus* HB8”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Koshiba S., Kigawa T., Kikuchi A., and Yokoyama S.: “Solution structure of the Epsin N-terminal homology (ENTH) domain of human Epsin”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Terada T., Shirouzu M., Fukumori Y., Fujimori F., Ito Y., Kigawa T., Yokoyama S., and Uchida T.: “Solution structure of the human parvulin-like peptidyl prolyl *cis*/trans isomerase, hPar14”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Inoue M., Kigawa T., Shirouzu M., Tachida Y., Inoue M., Kawaguchi S., Shibata T., Inoue Y., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Solution structure of the *Thermus thermophilus* hypothetical protein 258”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Terada T., Shirouzu M., Kawaguchi S., Masui R., Nureki O., Vassilyev D. G., Wada T., Inoue M., Ishii R., Katsura Y., Kukimoto M., Nakano N., Trakhanov S., Inoue M., Tachida Y., Hashimoto K., Goto M., Tajima K., Kigawa T., Yabuki T., Asanuma M., Hirota H., Inoue Y., Shibata T., Kuramitsu S., and Yokoyama S.: “Structural studies on new functional proteins and proteins involved in transcription and translation of *Thermus thermophilus* HB8”, Int. Conf. on Structural Genomics 2000 (ICSG2000), Yokohama, Nov. (2000).
- Shibata T., Nishinaka T., Mikawa T., Aihara H., Kurumizaka H., Yokoyama S., and Ito Y.: “Homologous genetic recombination as an intrinsic dynamic feature of DNA molecular: A suggestion from structural studies on RecA/Rad51-mediated heteroduplex joint-formation”, Natl. Acad. of Science Colloq. on Links between Recombination and Replication: Vital Roles of Recombination, Irvine, USA, Nov. (2000).
- Yokoyama S.: “RIKEN structural genomics initiative”, 11th Workshop on Genome Informatics (GIW 2000), (Human Genome Center, University of Tokyo), Tokyo, Dec. (2000).
- Yokoyama S.: “RIKEN structural genomics initiative”, High Throughput Structural Biology, (ESRF, EMBL), Grenoble, France, Feb. (2001).
- Yamamoto M., Adachi S., Kumasaka T., Kawano Y., Park S.-Y., Kamiya N., Shiro Y., Inoue Y., Yokoyama S., Miyano M., and Ishikawa T.: “SPRING-8 RIKEN beamlines for structural biology and structural genomics”, High Throughput Structural Biology, (ESRF, EMBL), Grenoble, France, Feb. (2001).
- Yokoyama S.: “Structural basis for the amino acid and transfer RNA recognition by class-(I) aminoacyl-tRNA synthetases”, Int. COE Symp. on Post-Genome World of RNA, (Institute of Medical Science, University of Tokyo), Tokyo, Mar. (2001).
- (国内会議)
- 胡桃坂仁志, 相原秀樹, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad51-N 末端ドメインの高次構造と Rad52 結合領域の解析”, 第 37 回日本生物物理学会年会, 和光, 10 月 (1999).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の機能領域の解析”, 第 37 回日本生物物理学会年会, 和光, 10 月 (1999).
- 胡桃坂仁志, 井川肅子, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒトの DNA 修復に関わる Xrcc2, Xrcc3, Rad51C, HsRad51 の生化学的解析”, 第 72 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (1999).
- 胡桃坂仁志, 井川肅子, 香川亘, 柴田武彦, 横山茂之: “DNA 修復に関わるヒト Xrcc3 の複合体形成と DNA 組換え活性”, 第 22 回日本分子生物学会年会 ワークショップ「DNA 修復研究の最前線」, 福岡, 12 月 (1999).
- 横山茂之: “*In vitro* 蛋白合成系と構造解析”, 医科研シンポジウム「プロテオーム研究の最前線」, (東京大学医科学研究所), 東京, 5 月 (2000).

- 伊藤隆, 相原秀樹, 美川務, 横山茂之, 柴田武彦, 美川務: “大腸菌 DinI の高次構造と RecA との相互作用”, 平成 12 年度日本分光学会春期講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 菊地淳, 岩原淳二, 木川隆則, 村上洋太, 岡崎恒子, 横山茂之: “DNA 結合タンパク質の Abp1 の運動性解析”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 小柴生造, 木川隆則, 菊池章, 横山茂之: “Epsin の ENTH ドメインの NMR による構造解析”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 伊藤拓宏, 武藤裕, 金仁実, Green M. R., 横山茂之: “hU2AF65 の RNA 結合ドメインの立体構造解析”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 木川隆則, 矢吹孝, 布川 (山口) 絵未, 関英子, 松田貴意, 元田容子, 松田夏子, 横山茂之: “NMR と無細胞合成系を用いたタンパク質基本構造の解析”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 井上真, 武藤裕, 坂本博, 横山茂之: “NMR 法による HuC RNA 結合ドメインと RNA の相互作用解析”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 横山茂之: “NMR と構造ゲノム科学”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 北村彩, 武藤裕, 渡辺暁, 金仁実, 伊藤拓宏, 西谷陽一, 坂本健作, 大槻高史, 河合剛太, 渡辺公綱, 細野和美, 高久洋, 加藤悦子, 山崎俊正, 井上丹, 横山茂之: “セルフスプライシングを行うリボザイムであるグループ I イントロンのグアノシン結合部位の構造解析”, 平成 12 年度日本分光学会春季講演会, 東京, 5 月 (2000).
- 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “ニューラルネットワークによるタンパク質ドメインリンカー予測”, 蛋白合同年会東京 2000: 第 51 回タンパク質構造討論会, 第 12 回日本蛋白工学会, 第 7 回タンパク質立体構造の構築原理ワークショップ, 東京, 6 月 (2000).
- 横山茂之: “21 世紀の生物学と結晶学: ゲノム構造生物学のインパクト”, 21 世紀における結晶学シンポジウム, (日本結晶学会, 日本学術会議結晶学研究連絡委員会), 東京, 7 月 (2000).
- 金森審子, 濱田季之, 廣田洋, 大坪伸将, 石田秀治, 木曾真, 小泉恵子, 神奈木玲児: “シアル酸の環状化によるセレクチン結合活性の調節機構”, 第 21 回糖質シンポジウム, 名古屋, 7 月 (2000).
- 平尾一郎, 原田洋子, 野島高彦, 大沢豊, 正木春彦, 横山茂之: “*In vitro* セレクションによるコリシン E3 に結合する RNA の解析”, 第 2 回 RNA ミーティング, 函館, 7-8 月 (2000).
- 北村彩, 武藤裕, 金仁実, 伊藤拓宏, 渡部暁, 西谷陽一, 坂本健作, 大槻高史, 細野和美, 河合剛太, 渡辺公綱, 高久洋, 加藤悦子, 山崎俊正, 井上丹, 横山茂之: “グループ I イントロンのグアノシン結合部位を含む RNA 分子 (GBS/ ω G) の NMR 法による構造決定”, 第 2 回 RNA ミーティング, 東京, 7-8 月 (2000).
- 半田徳子, 濡木理, 栗本一基, 深井周也, 金仁実, 坂本博, 志村令郎, 武藤裕, 横山茂之: “分解能 1.7 Å で得たショウジョウバエ Sex-lethal タンパク質・トランスフォーマー mRNA 前駆体複合体の結晶構造”, 日本 RNA 学会年会第 2 回 RNA ミーティング, 横浜, 7-8 月 (2000).
- 北畠真, Ali K., Arnold D., 横山茂之, Soll D.: “放射線トリプトファン tRNA 合成酵素のクローニングと解析: インドールマイシン耐性の分子機構”, 日本 RNA 学会年会第 2 回 RNA ミーティング, 東京, 7-8 月 (2000).
- 鈴木勉, 寺崎真樹, 堀 (竹本) 千重, 梶浦章正, 花田孝雄, 和田明, 上田卓也, 渡辺公綱, 鈴木勉, 和田明: “哺乳動物ミトコンドリアリボソームのキャラクタリゼーション”, 日本 RNA 学会年会第 2 回 RNA ミーティング, 東京, 7-8 月 (2000).
- 田中祥徳, 濡木理, 胡桃坂仁志, 深井周也, 河口真一, 幾田まり, 岩原淳二, 岡崎恒子, 横山茂之: “ヒトセントロメア結合タンパク質 CENP-B と CENP-B box DNA との複合体の X 線結晶構造解析”, 文部省科研費特定領域研究 (A) 第 3 回ワークショップ「生物マシーナリー」, 札幌, 8 月 (2000).
- 古川浩康, 芳賀達也, 濱田季之, 廣田洋, 武藤裕, 横山茂之: “ムスカリン受容体に結合したメタコリンの構造”, 第 38 回日本生物物理学会年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 谷一寿, 長内隆, 黒田裕, 松尾洋, 横山茂之: “構造ゲノミクスにおける立体構造決定ターゲット選択支援のためのシステム開発”, 第 38 回日本生物物理学会年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 濡木理, 白水美香子, 嶋田睦, 中間崇, 深井周也, 石谷隆一郎, 橋本恭子, Vassilyev D. G., 横山茂之: “正確な蛋白質合成を保証する酵素ファミリーの構造生物学”, 第 38 回日本生物物理学会年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 近山英輔, 柳在圭, 黒田裕, 松尾洋, 谷一寿, 河合純, 林崎良英, 横山茂之: “構造ゲノム科学における構造解析の対象となるタンパク質ドメイン領域の自動推定システム”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 黒田裕, 松尾洋, 谷一寿, 横山茂之: “相同配列解析に基づく自動的なドメイン推定”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 田中剛範, 黒田裕, 横山茂之: “二次構造予測および相同配列のアラインメントを利用したタンパク質ドメインリンカーの同定”, 第 38 回日本生物物理学会回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 宮崎哲, 黒田裕, 横山茂之: “タンパク質ドメインリンカーの配列解析に基づくドメイン予測法の構築”, 日本生物物理第 38 回年会, 仙台, 9 月 (2000).
- 伴麗子, 福沢世傑, 濱田季之, 廣田洋: “Onnamide A の作用機序に関する研究”, 文部省科研費特定領域研究 (A) 第 1 回公開シンポジウム, 名古屋, 9 月 (2000).
- 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 山口絵未, 関英子, 松田貴意, 木川隆則, 林崎良英: “PCR と無細胞タンパク質合成系を用いた, 多検体, 高収量, 迅速な融合タンパク質の発現法”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 香川亘, 田中真希, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad51 相互作用因子, HsRad52 および Xrcc3 の機能解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 寺田透, 白水美香子, 藤森文啓, 伊藤隆, 木川隆則, 内田隆史, 横山茂之: “ペプチジルプロリルシス/トランスイソメラーゼ hPar14 の NMR による構造解析”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 松田貴意, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析

- 法を用いた無細胞タンパク質合成系によるタンパク質試料の大量調製”, 第 73 回日本生化学会大会, 横浜, 10 月 (2000).
- 小柴生造, 木川隆則, 菊池章, 横山茂之: “Epsin の ENTH ドメインの NMR による構造解析”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 濱田季之, 廣田洋, 古川浩康, 芳賀達也, 武藤裕, 横山茂之: “TRNOE 法によるムスカリン性アセチルコリン受容体に結合したメタコリンの構造解析研究”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 木川隆則, 矢吹孝, 布川 (山口) 絵未, 関英子, 松田貴意, 元田容子, 松田夏子, 沈新春, 横山茂之: “タンパク質基本構造の解明研究”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 菊地淳, 岩原淳二, 木川隆則, 村上洋太, 岡崎恒子, 横山茂之: “遠位相互作用を利用した Abp1/DNA 複合体の立体構造解析”, 第 39 回 NMR 討論会, 東京, 11 月 (2000).
- 横山茂之: “理化学研究所・構造ゲノム科学プロジェクト”, NMR2000, (東京 NMR 懇親会), 八王子, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 井川肅子, 香川亘, 江田慶子, 中田真希, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “DNA 組換え修復に働く Xrcc3・Rad51C 複合体の機能解析”, 第 14 回ワークショップ「遺伝的組換えとその制御」, 神戸, 12 月 (2000).
- 柴田武彦, 美川務, 西中太郎, 相原秀樹, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “Molecular structure for heteroduplex joint-formation by RecA/Rad51 family proteins”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 矢吹孝, 元田容子, 松田夏子, 黒田裕, 松尾洋, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “PCR と無細胞タンパク質合成系を用いた, 多検体, 高収量, 迅速なタンパク質ドメインの発現法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 北島真, 関根俊一, 濡木理, 坂本健作, 横山茂之: “グルタミン tRNA 合成酵素のアミノ酸認識機構の分子メカニズム”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 中田真希, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 family の脳における複合体形成と DNA 組換え活性”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の N 末端ドメインの DNA 組換え活性”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 中田真希, 香川亘, 榎本りま, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad51 family の脳における複合体形成と DNA 組換え活性”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 関英子, 木川隆則, 松田夏子, 林崎良英, 横山茂之: “構造ゲノム科学のためのタンパク質ドメイン選択法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 谷一寿, 白水美香子, 胡桃坂仁志, 長内隆, 松尾洋, 横山茂之: “構造ジェノミクスにおける構造決定ターゲットの選択と優先順位付け”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 長内隆, 谷一寿, 松尾洋, 横山茂之: “構造ジェノミクスのためのタンパク質情報解析・実験情報管理総合システム”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 関根俊一, 濡木理, Vassilyev D. G., 横山茂之: “高度好熱菌グルタミル tRNA 合成酵素による tRNA 認識のメカニズム”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 松田貴意, 矢吹孝, 松田夏子, 木川隆則, 横山茂之: “透析法を用いた無細胞タンパク質合成系によるタンパク質試料の大量調製”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 赤沼哲史, 木川隆則, 横山茂之: “配列中に含まれるアミノ酸の種類を減らした酵素の作製法”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 布川 (山口) 絵未, 木川隆則, 児玉公一郎, 松田貴意, 松田夏子, 矢吹孝, 石谷隆一郎, 濡木理, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成による Se-Met 導入タンパク質の調製と X 線結晶解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 元田容子, 矢吹孝, 松田夏子, 林崎良英, 木川隆則, 横山茂之: “無細胞タンパク質合成系を用いた cDNA の多検体同時発現”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 田島夏織, 白水美香子, 井上みお, 矢吹孝, 木川隆則, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “無細胞系による高度好熱菌 *T.th* HB8 タンパク質の発現”, 第 23 回日本分子生物学会年会, 神戸, 12 月 (2000).
- 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “DNA 組換え修復に働く Xrcc3・Rad51C 複合体の機能解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会サテライトシンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 柴田武彦, 美川務, 西中太郎, 相原秀樹, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “RecA/Rad51 蛋白による相長的組換え中間体, ヘテロ二本鎖形成における構造の生物学”, 第 23 回日本分子生物学会年会サテライトシンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 白水美香子, 胡桃坂仁志, 木川隆則, 河口真一, Vassilyev D. G., 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之: “機能解析と立体構造解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会サテライトシンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 木川隆則, 横山茂之: “NMR によるハイスループットなタンパク質構造決定”, 第 23 回日本分子生物学会年会シンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 横山茂之: “構造ゲノム科学とは”, 第 23 回日本分子生物学会年会シンポジウム, 神戸, 12 月 (2000).
- 横山茂之, 木川隆則: “無細胞タンパク質合成法の構造・機能ゲノム科学への応用”, 第 23 回日本分子生物学会年会テクニカルセミナー, 神戸, 12 月 (2000).
- 黒田裕, 横山茂之: “構造ゲノム科学を支援するためのドメイン構造解析”, 第 23 回日本分子生物学会年会ワークショップ, 神戸, 12 月 (2000).
- 廣田洋: “タンパク質の構造・機能研究における NMR 技術”, 2000 年度第 3 回超伝導応用研究会シンポジウム/第 8 回冷凍部会例会, 横浜, 1 月 (2001).
- 古川浩康, 濱田季之, 廣田洋, 武藤裕, 横山茂之, 芳賀達也: “ムスカリン性アセチルコリン受容体に結合した低分子リガンド類の構造解析研究”, 研究領域「脳を知る」のシンポジウム, (CREST), 東京, 1 月 (2001).

関根俊一, 濡木理, Vassilyev D. G., 横山茂之: “グルタミル tRNA 合成酵素による基質認識のメカニズム”, 第 14 回日本放射光学会年会・放射光科学合同シンポジウム, (科学技術振興事業団), 広島, 1 月 (2001).

柴田武彦, 美川務, 井川肅子, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “染色体組換えにおける RecA/Rad51 属蛋白活性の調節機構”, 第 18 回染色体ワークショップ, 葉山, 1 月 (2001).

香川亘, 胡桃坂仁志, 柴田武彦, 横山茂之: “ヒト Rad52 タンパク質の X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

田中祥徳, 胡桃坂仁志, 濡木理, 深井周也, 河口真一, 幾田まり, 岩原淳二, 岡崎恒子, 横山茂之: “ヒトセントロメア結合タンパク質 CENP-B と CENP-B box DNA 複合体との X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

白水美香子, 寺田透, 藤森文啓, 伊藤隆, 木川隆則, 内田隆史, 横山茂之: “ペプチジルプロリルシス/トランスイソメラーゼ hPar14 の NMR による構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

菊地淳, 木川隆則, 横山茂之: “遠位 NMR 情報によるタンパク質の立体構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

小林慎一郎, 野嶽勇一, 本島浩之, 石嶋潤, 増井良治, 中川紀子, 柴田武彦, 井上頼直, 横山茂之, 倉光成紀: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 量産化タンパク質の効率的精製系の構築”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

桂康洋, 白水美香子, 濡木理, 井上みお, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 アミノトランスフェラーゼの X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

井上真, 木川隆則, 白水美香子, 立田由里子, 井上みお, 河口真一, 柴田武彦, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌機能未知タンパク質 258 の溶液構造”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

横山茂之: “細胞情報システムの構造生物学”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

小柴生造, 木川隆則, 菊池章, 横山茂之: “細胞情報伝達に関わる機能ドメインの NMR による構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

終元睦子, 濡木理, 杉谷博士, 古山俊介, 白水美香子, 堅田利明, 平林義雄, 横山茂之, 横山(原)三紀: “細胞表面抗原 CD38 とガングリオシドの複合体の X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

柴田武彦, 西中太郎, 美川務, 相原秀樹, 胡桃坂仁志, 横山茂之, 伊藤隆: “相同的 DNA 組換え研究における構造の生物学”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

寺田貴帆, 濡木理, 深井周也, 嶋田睦, 栗本一基, 石谷隆一郎, 布川(山口)絵未, 木川隆則, 横山茂之: “超好熱古細菌由来クラス I リシル tRNA 合成酵素 (LysRS) の X 線結晶構造解析”, 理研シンポジウム「構造生物学

(VI)」, 和光, 1 月 (2001).

半田徳子, 濡木理, 栗本一基, 深井周也, 金仁実, 坂本博, 志村令郎, 武藤裕, 横山茂之: “分解能 1.7 Å で得たショウジョウバエ Sex-Lethal タンパク質・トランスフォーマー mRNA 前駆体複合体の結晶構造”, 理研シンポジウム「構造生物学 (VI)」, 和光, 1 月 (2001).

木川隆則, 菊地淳: “理研におけるハイスループットな NMR 構造決定への取り組みについて”, 公開シンポジウム「新時代の NMR 蛋白質構造解析技術」, (理研 GSC タンパク質構造・機能研究グループ), 和光, 2 月 (2001).

倉光成紀, 増井良治, 黒川顕, 安永照雄, 横山茂之: “高度好熱菌丸ごと一匹プロジェクト”のためのゲノム解析”, 第 3 回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (統合ゲノム), 木更津, 2 月 (2001).

横山茂之: “構造ゲノム科学 (Structural Genomics) プロジェクトの現状”, 第 3 回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (統合ゲノム), 木更津, 2 月 (2001).

胡桃坂仁志, 白水美香子, 榎本りま, 木川隆則, Vassilyev D. G., 井上頼直, 柴田武彦, 倉光成紀, 横山茂之: “高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の網羅的タンパク質間相互作用解析系の構築”, 第 3 回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (文部省科研費補助金特定領域研究 (C)「統合ゲノム」), 木更津, 2 月 (2001).

白水美香子, 田島夏織, 井上みお, 矢吹孝, 寺田貴帆, 木川隆則, 井上頼直, 倉光成紀, 横山茂之: “無細胞系による高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 タンパク質の発現”, 第 3 回ワークショップ「微生物ゲノム研究のフロンティア」, (統合ゲノム), 木更津, 2 月 (2001).

横山茂之: “RNA 結合タンパク質の構造生物学”, 文部省科研費特定領域研究 (A) 第 4 回公開シンポジウム「RNA 動的機能の分子基盤」, 東京, 2 月 (2001).

濱田季之, 廣田洋, 古川浩康, 武藤裕, 芳賀達也, 横山茂之: “TRNOE 法によるムスカリン性アセチルコリン受容体に結合した低分子リガンドの構造解析研究”, 日本化学会第 79 春季年会, 神戸, 3 月 (2001).

濱田季之, 廣田洋, 金森審子, 神奈木玲児, 大坪伸将, 石田秀治, 木曾真, 横山茂之: “シアリルルイス X の新規環状誘導体の構造とセレクチン結合活性”, 日本化学会第 79 春季年会, 神戸, 3 月 (2001).

Research Subjects and Members of Protein Research Group

1. Protein Preparation
2. Protein Structure
3. Protein Function
4. Stable Isotopes

Head

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA

Team Leaders

Dr. Shigeyuki YOKOYAMA (Protein Preparation

Team, Protein Structure Team, Stable Isotopes Team)
Dr. Hiroshi HIROTA (Protein Function Team)

Members

Protein Preparation Team

Dr. Takanori KIGAWA
Dr. Mikako SHIROUZU
Dr. Hitoshi KURUMIZAKA
Dr. Takaho TERADA
Dr. Xinchun SHEN
Dr. Takashi YABUKI
Ms. Kyoko HASHIMOTO
Ms. Emi NUNOKAWA
Ms. Eiko SEKI
Ms. Mio INOUE
Ms. Yuriko TACHIDA
Ms. Natsuko MATSUDA
Mr. Takayoshi MATSUDA
Ms. Maki NAKADA
Ms. Mie GOTO
Ms. Satoko YASUDA
Ms. Emi Yamaguchi SIHTA
Dr. Goshi ISHIHARA
Mr. Koji KUBOTA
Ms. Ayako TATSUGUCHI
Ms. Ryoko USHIKOSHI

Protein Function Team

Dr. Toshiyuki HAMADA
Dr. Takashi WADA
Ms. Eiko MATSUMOTO
Ms. Miwako ASANUMA
Mr. Kei FUKUSHIMA
Ms. Keiko EDA
Ms. Kaori TAJIMA
Ms. Rima ENOMOTO
Ms. Reiko BAN
Ms. Mizue YAMAZAKI

Protein Structure Team

Dr. Yoshimi OHTA
Ms. Mayumi YOSHIDA
Dr. Hideaki MAEDA
Dr. Yutaka KURODA
Dr. Sergei TRAKHANOV
Dr. Yutaka ITO
Dr. Hideki HATANAKA
Dr. Kyoko INOUE
Dr. Mutsuko NIINO
Dr. Minoru HATANAKA
Dr. Chie HORI
Dr. Jun KIKUCHI
Dr. Makoto INOUE
Dr. Kengo KINOSHITA

Dr. Seizo KOSHIBA
Dr. Noriko TAMURA
Dr. Takanori TANAKA
Dr. Takashi OHTSUKI
Dr. JAE KYU YOO
Ms. Ako OKUMURA
Mr. Noboru NAKANO
Ms. Tomoko NAKAYAMA
Mr. Eisuke CHIKAYAMA
Ms. Miyuki SAITO
Ms. Yoko MOTODA
Ms. Norie FUJIKAWA
Ms. Yoshiko ISHIZUKA
Ms. Shihori YAMAMOTO
Ms. Rie NAKAJIMA
Ms. Hiroko UDA
Ms. Mihoro SAEKI

Stable Isotopes Team

Dr. Eiji GOTO
Dr. Toshiya HAYANO
Ms. Yoshiko YOSHIOKA
Ms. Kanako KUWASAKO

Dr. Satoshi AKANUMA*
Dr. Sumiko GOMI*
Dr. Makoto KITABATAKE*

* Special Postdoctoral Researcher

in collaboration with

Dr. Yoji ARATA (Research Consultant, Genomic Sciences Center)
Dr. Yo MATSUO (Bioinformatics Group)
Mr. Kazutoshi TANI (Bioinformatics Group)
Mr. Takashi OSANAI (Bioinformatics Group)
Dr. Takehiko SHIBATA (Cellular and Molecular Biology Lab.)

Visiting Members

Dr. Yaeta ENDO (Fac. Eng., Univ. Ehime)
Dr. Seketsu FUKUZAWA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Yoshinori HASEGAWA (Fac. Eng., Univ. Ehime)
Dr. Seiji HAYASHI (Kobe Steel)
Dr. Hiroyuki HORI (Fac. Eng., Univ. Ehime)
Dr. Fuyuhiko INAGAKI (Grad. Sch. Pharm. Sci., Hokkaido Univ.)
Mr. Wataru KAGAWA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Masatsune KAINOSHO (Fac. Eng., Tokyo Metrop. Univ.)
Dr. Gota KAWAI (Chiba Inst. Technol.)
Dr. Akinoro KIDERA (Grad. Sch. Sci., Univ. Kyoto)
Dr. Syunichi KIDOKORO (Nagaoka Univ. Technol.)
Dr. Insil KIM (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Seiki KURAMITSU (Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.)

Dr. Haruki NAKAMURA (Res. Cen. Struct. Biol., Inst.
Protein Res., Osaka Univ.)
Dr. Yoshifumi NISHIMURA (Grad. Sch. Integrat. Sci.,
Yokohama City Univ.)
Dr. Osamu NUREKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Dr. Tatsuya SAWAZAKI (Fac. Eng., Univ. Ehime)
Dr. Heisaburo SHINDO (Sch. Pharm., Tokyo Univ.
Pharm. Life Sci.)
Dr. Kunitsugu SODA (Nagaoka Univ. Technol.)
Dr. Mark SWINDELLS (InPharmatica, Ltd., UK)
Dr. Sakurako TASHIRO (Sch. Pharm., Tokyo Univ.
Pharm. Life Sci.)
Dr. Hiroyuki TOH (Biomol. Eng. Res. Inst.)

Trainees

Mr. Makoto ENDO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Shuya FUKAI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Takuhiro FUKAZU (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Sakurako GOTO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)

Mr. Ryohei ISHI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Ryuichiro ISHITANI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Takuma KASAI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Takeo KATSUKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Yasuhiro KATSURA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Aya KITAMURA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Kouichirou KODAMA (Grad. Sch. Sci., Univ.
Tokyo)
Mr. Takashi KUNISHIMA (Sch. Sci., Rikkyo Univ.)
Mr. Kazuki KURIMOTO (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Satoshi MIYAZAKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Takashi NAKAMA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Mayuko OKABE (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Hirotaka SASAKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Ms. Aya SATO (Fac. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Toru SENGOKU (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Hideyasu SHINDO (Fac. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Yoshinori TANAKA (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)
Mr. Ryutaro YUSUNOKI (Grad. Sch. Sci., Univ. Tokyo)